

# 植物腺苷甲硫氨酸脱羧酶研究进展

张佳景 丁淑丽 邹宜静 程琳 卢钢\*

(浙江大学农业与生物技术学院园艺系, 杭州 310029)

**摘要** 多胺对植物生长发育的调控以及生物或非生物逆境胁迫反应中起着重要的作用。腺苷甲硫氨酸脱羧酶(*S*-adenosylmethionine decarboxylase, SAMDC)是植物体多胺生物合成途径中一个关键酶, 催化腺苷甲硫氨酸(*S*-adenosylmethionine, SAM)形成脱羧的SAM, 为多胺生物合成提供氨丙基供体。现对植物中SAMDC的种类、SAMDC基因的特征以及功能研究现状进行了综述。

**关键词** 腺苷甲硫氨酸脱羧酶; 多胺; 生物学功能

多胺广泛存在于所有生物中, 并且在细胞生长发育衰老过程中起重要的作用<sup>[1]</sup>。在多胺的生物合成途径中腺苷甲硫氨酸脱羧酶(*S*-adenosylmethionine decarboxylase, SAMDC, EC 4.1.1.50)是一个关键的调节酶<sup>[2,3]</sup>, 在植物形态发生、胚胎发生和早期果实发育过程中具有很强的调节作用<sup>[4]</sup>。近十年来已成为生物化学研究微生物<sup>[5]</sup>、植物<sup>[1]</sup>、哺乳动物<sup>[5]</sup>的焦点。SAMDC催化腺苷甲硫氨酸(*S*-adenosylmethionine, SAM)形成的脱羧SAM, 它为多胺生物合成提供氨丙基供体(图1)。因此对SAMDC的特征及调节作用进行研究有很大的现实意义。

## 1 植物中已分离得到的SAMDC基因

到目前为止已经从生菜<sup>[6]</sup>、康乃馨<sup>[7]</sup>、拟南芥<sup>[8]</sup>、大豆<sup>[7]</sup>等植物中分离了编码腺苷甲硫氨酸脱羧酶基因。已分离得到的腺苷甲硫氨酸脱羧酶在基因文库中记录的约有180个, 其中从植物中分离的约有40余个。表1列出了部分已分离的植物SAMDC基因(表1)。原核生物和真核生物中分离得到的腺苷甲硫氨酸脱羧酶几乎没有序列相似性, 但是该酶在植物中有非常高的相似性<sup>[5]</sup>。

拟南芥SAMDC家族的4个基因SAMDC1 (*At3g02470*), SAMDC2 (*At5g15950*), SAMDC3 (*At3g25570*), 以及SAMDC4 (*At5g18930*)在植物发育不同时期发挥重要的调控作用。其中SAMDC1和SAMDC2的氨基酸同源性高达78%, 而SAMDC4和其他三个基因的相似性都非常低<sup>[9]</sup>。Franceschetti等<sup>[10]</sup>利用RT-PCR技术分析得出SAMDC1在植物体内多个部位大量存在, 而SAMDC2只在植物叶片和花

中表达。Ge等<sup>[9]</sup>也通过RNA杂交证明了拟南芥SAMDC家族的4个基因存在功能冗余现象而且四个基因具有器官表达特异性, 在其选取的拟南芥六个发育部位中, SAMDC1在植物各个器官中均有大量表达, SAMDC2只在根、叶片和花中表达; SAMDC3在所有部位表达相对较弱, 而SAMDC4在各个部位中均有微弱的表达。

## 2 SAMDC的分类

SAMDC是一个进化上高度保守的脱羧酶家族, 本身不具有酶活性, 而是自身催化后形成共价双链的丙酮酰作为酶活动辅基<sup>[11]</sup>。它以SAM为底物催化脱羧形成dcSAM, 后者提供氨丙基在亚精胺合成酶和精胺合成酶催化下分别合成亚精胺(spermidine, spd)和精胺(spermine, spm), 所以SAMDC是多胺合成的另一个关键酶<sup>[12]</sup>。Toms等<sup>[13]</sup>研究了细菌和真核生物之间的进化关系, 发现已知所有的SAMDC共有的特征是都属于依赖丙酮酰的酶, 以共价双链丙酮酸作为酶活动的辅基, 而不是氨基酸脱羧反应中所常用的磷酸吡哆醛辅助因子。在正常生理条件下, dcSAM的浓度很低, 同时因与快速降解有关的PEST结构域的存在, 致使SAMDC的半衰期很短(0.5~2 h), 因此SAMDC是Spd和Spm合成的限速酶<sup>[14]</sup>。

SAMDC可分为两类<sup>[4]</sup>, 一类主要存在于细菌和古细菌; 另一类酶主要存在于真核生物。两种情况

收稿日期: 2008-02-29 接受日期: 2008-06-26

国家自然科学基金(No.30571268)及国家高技术研究发展计划(863计划)(No.2006AA100108)资助项目

\*通讯作者。Tel: 0571-86971349, E-mail: glu@zju.edu.cn

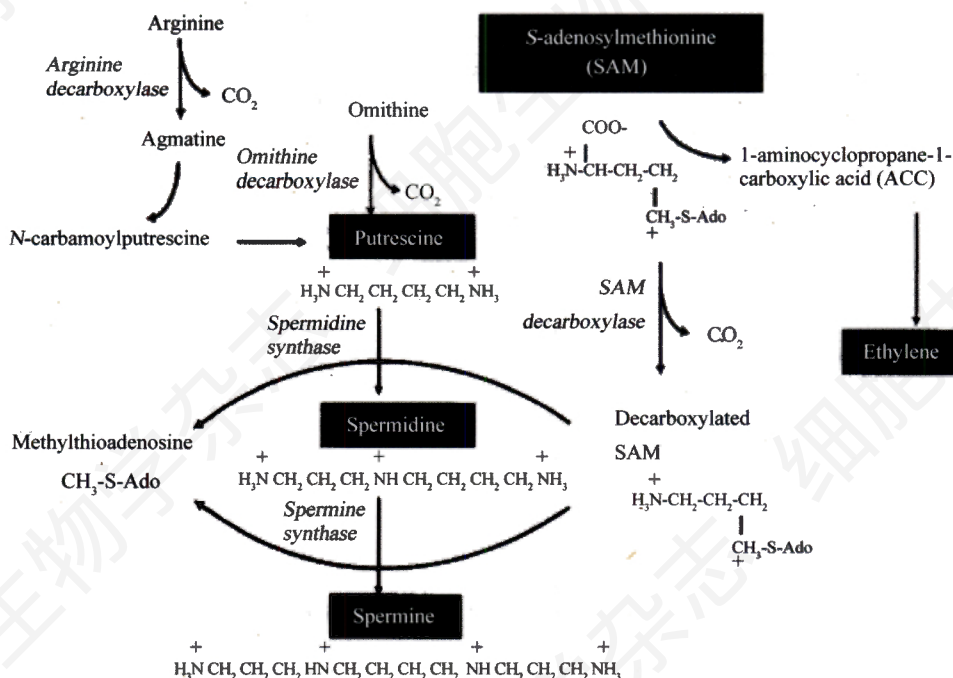


图1 多胺合成的生物途径: 包括中间产物和酶(斜体)<sup>[11]</sup>

下形成的活性酶都是经由来源丝氨酸的残基通过自身催化的转录后修饰产生的。尽管所有的腺苷甲硫氨酸脱羧酶经历同样的自身成熟过程,但是第一类和第二类酶几乎没有序列相似性。

第一类SAMDC可分为A、B两小类。其中A类主要包括革兰氏阴性细菌。其活性酶形成需要二价金属离子(如镁离子)催化形成 $(\alpha\beta)_4$ 四聚物;B类包括革兰氏阳性细菌和古细菌,如杆状菌和詹氏甲烷球菌,其活性酶以 $(\alpha\beta)_2$ 二聚物的形式存在,且二聚物形成不需要镁离子或其他的活性剂参与。A和B两类间序列同源性很低,这种低同源性可以通过残基周围的切割位点和丝氨酸残基来证实<sup>[15]</sup>。目前可利用的几种丙酮酰酶主要包括从乳酸菌中分离的组氨酸脱羧酶(histidine decarboxylase, HisDC)、从大肠杆菌中分离的天冬氨酸脱羧酶(aspartate decarboxylase, AspDC)和从詹氏甲烷球菌中分离的精氨酸脱羧酶(arginine decarboxylase, ArgDC)等。这些蛋白酶在序列和结构上均与从海栖热孢菌中分离的SAMDC无相似性,仅仅ArgDC和HisDC有序列同源性。在SAMDC和AspDC的丙酮酰基的产生都是来自相同的双链 $\beta$ 片层。然而,在HisDC和ArgDC双链却是来自不同的 $\beta$ 片层。SAMDC、HisDC和AspDC之间无任何明确的结构相似性。

第二类SAMDC主要存在于真核生物中, Tassoni

等<sup>[5]</sup>将真核生物中SAMDC基因按照亲缘关系的远近将其划为四组(图2)。而Stanley等<sup>[16]</sup>则根据腐胺Put对SAMDC酶原的激活作用分成Put激活型和Put不敏感型。

### 3 植物中SAMDC的特征与功能研究

Franceschetti等<sup>[10]</sup>获得了两种拟南芥表达序列标签(expressed sequence tag, EST),两种水稻EST和一种玉米EST编码的SAMDC的cDNA的完整序列。他们总结出每种单子叶植物与拟南芥编码的SAMDCs相比含有延长的C末端,单子叶植物约比双子叶植物长20个氨基酸残基,并且单子叶植物和双子叶植物C末端均富含酸性氨基酸。Xiong等<sup>[17]</sup>证实天冬氨酸残基(ASP174)是人类SAMDC酶原形成过程特异性必需的,在植物中不存在该序列;谷氨酸残基(Glu11, Glu178, Glu256)在人类中形成的SAMDC酶原是保守的。

#### 3.1 SAMDC基因进化的关系

Toms等<sup>[13]</sup>研究阐明原核生物中SAMDC结构的形成主要是测定原核生物和真核生物在酶形成过程中二者之间的联系。尽管两类酶的形成都是利用丙酮酰基,但是在丙酮酰基位点外没有检测到序列相似性。海栖热孢菌SAMDC酶原揭示蛋白质二聚物存在折叠结构,并与真核生物SAMDC启动子相似,表

表1 植物中已分离得到的SAMDC基因(GenBank)

Accession	Sources	Locus	Base	Nucleotide	First author	Year
U63633	<i>Arabidopsis thaliana</i> 拟南芥	ATU63633	1 823 bp	mRNA	Carrasco P	1996
NM111114	<i>Arabidopsis thaliana</i> 拟南芥	NM111114	1 953 bp	mRNA	Town CD	2002
NM121898	<i>Arabidopsis thaliana</i> 拟南芥	NM121898	1 599 bp	mRNA	Southwick A	2002
NM113454	<i>Arabidopsis thaliana</i> 拟南芥	NM113454	1 730 bp	mRNA	Kusano T	2008
NM001053939	<i>Oryza sativa</i> 水稻	NM001053939	1 981 bp	mRNA	Sasaki T	2008
NM001059748	<i>Oryza sativa</i> 水稻	NM001059748	2 710 bp	mRNA	Sasaki T	2008
NM001112243	<i>Zea mays</i> 玉米	NM001112243	1 873 bp	mRNA	Michael AJ	2007
AJ567368	<i>Vitis vinifera</i> 葡萄	VVI567368	1 682 bp	mRNA	Tassoni A	2003
AY651064	<i>Mangifera indica</i> 芒果	AY651064	546 bp	mRNA	Gupta R	2004
AJ704800	<i>Prunus persica</i> 桃	AJ704800	1 189 bp	DNA	Ziosi V	2003
AF321142	<i>Nicotiana tabacum</i> 普通烟草	AF321141S2	595 bp	mRNA	Cordeiro AF	2000
AF321141	<i>Nicotiana tabacum</i> 普通烟草	AF321141S1	639 bp	mRNA	Cordeiro AF	2000
AF033100	<i>Nicotiana tabacum</i> 普通烟草	AF033100	2 325 bp	DNA	Paramale SR	1997
AB087841	<i>Pisum sativum</i> 豌豆	AB087841	1 060 bp	mRNA	Nakamura N	2002
U60592	<i>Pisum sativum</i> 豌豆	PSU60592	1 829 bp	mRNA	Marco F	2002
CD026752	<i>Pinus taeda</i> 火炬松	CD026752	480 bp	mRNA	Sederoff R	2000
AY232672	<i>Narcissus pseudonarcissus</i> 水仙	AY232672	1 812 bp	mRNA	Gookin TE	2003
AF291761	<i>Ipomoea batatas</i> 甘薯	AF291761	3 648 bp	DNA	Chiang WJ	2000
AF488307	<i>Glycine max</i> 大豆	AF488307	1 824 bp	mRNA	Tian AG	2002
AB062360	Lima bean 利马豆	AB062360	1 518 bp	mRNA	Arimura G	2002
AF334029	<i>Daucus carota</i> 胡萝卜	AF334029	1 761 bp	mRNA	Varma S	2001
AF215665	<i>Brassica juncea</i> 芥菜	AF215665	1 743 bp	mRNA	Hu WW	2000
AA076673	<i>Solanum soganandinum</i> 马铃薯	AA076673	243 bp	mRNA	Rorat T	1997
S74514	<i>Solanum tuberosum</i> 马铃薯	S74514	2 904 bp	DNA	Mad Arif S	1995
AA076673	<i>Solanum soganandinum</i> 马铃薯	AA076673	243 bp	mRNA	Rorat T	1997
U12573	<i>Catharanthus roseus</i> 长春花	CRU12573	1 864 bp	mRNA	Schroeder G	1995
U64927	<i>Ipomoea nil</i> 大花牵牛	INU64927	4 472 bp	DNA	Park WK	1998
AY496095	<i>Capsicum annuum</i> 辣椒	AY496095	727 bp	mRNA	Kim S	2003
U94786	<i>Dianthus caryophyllus</i> 康乃馨	DCU94786	4 311 bp	DNA	Kim YJ	1997
DQ224276	<i>Lycopersicon chilense</i> 智利番茄	DQ224276	1 077 bp	mRNA	Yanez ML	2005
EF550528	<i>Solanum lycopersicum</i> 番茄	EF550528	1 865 bp	mRNA	Liu Z	2007
EU196515	<i>Solanum lycopersicum</i> 番茄	EU196515	3 648 bp	DNA	Liu Z	2008
EU196516	<i>Solanum lycopersicum</i> 番茄	EU196516	3 190 bp	DNA	Liu Z	2008
EU196517	<i>Solanum lycopersicum</i> 番茄	EU196517	3 542 bp	DNA	Liu Z	2008

明二者在酶形成过程中存在趋同进化的关系。

Tassoni 等<sup>[9]</sup>研究了 34 个物种中 SAMDC 基因的系统进化关系,并根据相似性将其分成了 4 组(图 2)。丁淑丽等<sup>[18]</sup>从十字花科 6 属 14 个种中新克隆分离了 SAMDC 基因的同源序列。比较分析结果表明:这些同源序列的相似性达 87% 以上,所推导的氨基酸序列相似性达 90% 以上,进化树直观地表明在亲缘进化关系上芸薹属与萝卜属较近,其他依次为山芥属、蔊菜属、拟南芥属和芥菜属最远。

### 3.2 微小的和小的重叠开放阅读保守区域

与其他生物相比较,植物中的 SAMDC 基因具有一些明显的特征。植物中的 SAMDC 基因在主要开放阅读框(main-ORF)内没有内含子,而 5' 非编码区前导序列中有内含子。上游 5' 端具有重叠的微型上游

开放阅读框(micro-uORFs),包含 3~4 个密码子;下游 3' 端具有小型 uORFs (small-ORFs)包含 50~54 个密码子<sup>[5]</sup>。Schröder 等<sup>[19]</sup>曾报道植物中 SAMDC 5' 端序列包含有保守的小型 and 微型开放阅读框,编码约 50 个氨基酸残基。5' 前导序列在转录和转录后调控 SAMDC 基因方面发挥着重要作用,而哺乳动物中 SAMDC 的 uORFs 对翻译抑制有调控作用<sup>[20-22]</sup>。

每种植物 SAMDC 的 cDNA 包含较长的 5' 端序列<sup>[10,23]</sup>,例如拟南芥 SAMDC1 长 505 bp,拟南芥 SAMDC2 长 481 bp 等。Franceschetti 等<sup>[10]</sup>检测了 23 种植物的 SAMDC mRNA 序列的 uORF,其中包括 4 种单子叶植物序列和 1 种裸子植物序列的表达序列标签。编码肽的氨基酸序列是高度保守的,N 端仅有一个区域的变化,并且这种变化是由于连续的丝氨

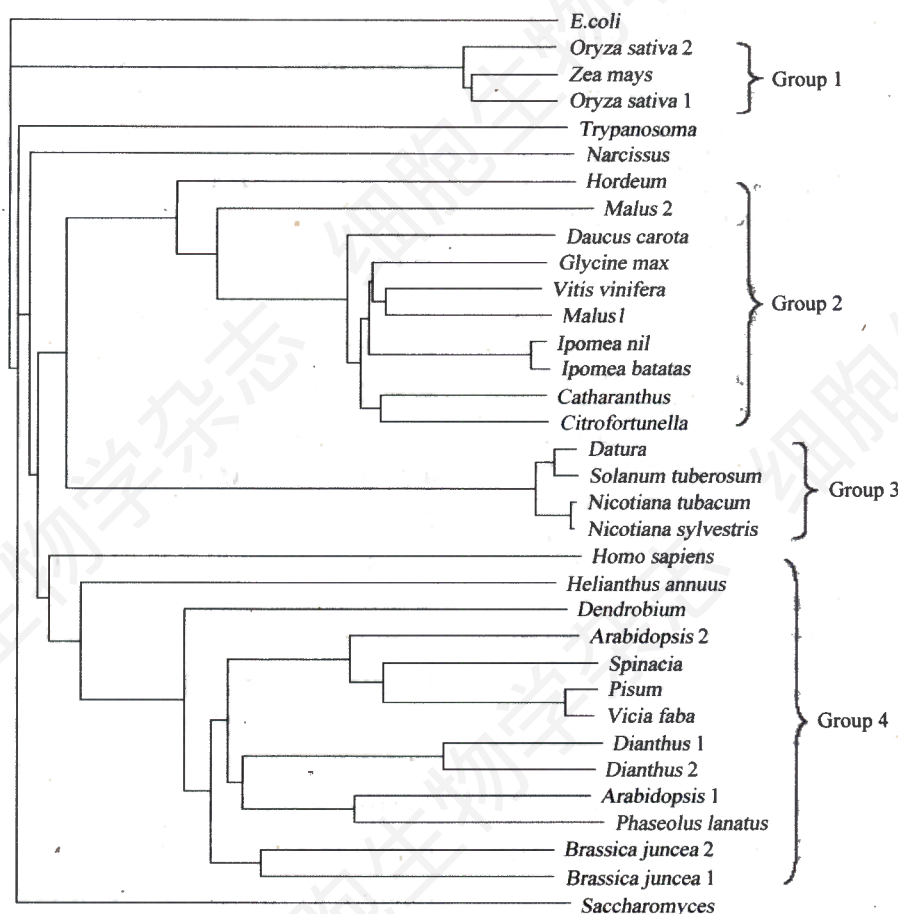


图2 各物种 SAMDC 基因氨基酸序列比对的系统进化树<sup>[5]</sup>

酸数目的差异引起的。植物的 uORF 位于较长的 5' 前导序列的中间部位。

所有植物 SAMDC 5' 端前导序列的一个微型 uORF 且与小型 uORF 重叠(图3)。微型 uORF 仅有两个氨基酸残基, 且第2个也是不保守的。在两种拟南芥和两种芸苔属芥菜植物中小型 uORF 编码3个氨基酸残基, 且是进化关系较近的物种。在所有情况下, 微型 uORF 的终止密码子, 即最后一个核苷酸的碱基 A 是小型 uORF 起始密码子 ATG 的第一个碱基。与此研究相类似, Hanfrey 等<sup>[24]</sup>研究也表明, 微型 uORF 的终止密码子 UGA 中的 A 和小型 uORF 中第一个核苷酸 AUG 中的起始密码子 A 重叠, 且小型

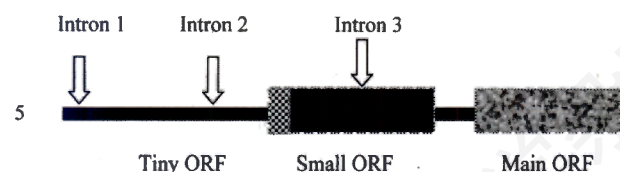


图3 植物中 SAMDC mRNA 5' 端小型和微型 uORFs 前导序列的交叉点<sup>[10]</sup>

uORF 位于拟南芥 SAMDC 基因编码的 uORF 上游约 154 核苷酸处。

### 3.3 植物基因组中 SAMDC 基因组结构特征

Franceschetti 等<sup>[10]</sup>从 λZAP 载体基因组文库中分离克隆得到拟南芥 SAMDC1 和 SAMDC2 的 cDNA, 并用水稻基因组 DNA 通过 PCR 技术分离两种水稻 SAMDC 相应的基因组区域。在 3' 非翻译区或主要的酶原开放阅读框中不含有任何内含子, 然而发现小的内含子在高度保守的位置, 即在小型 uORF 的 C 末端(拟南芥 SAMDC2 除外)(表2)。较大的内含子出现在微型 uORF 的上游, 小的内含子位于 5' 前导序列的末端, 上游还含有两个内含子区域。在单子叶和双子叶植物 SAMDC 基因中保守的小型 uORF 其侧面内含子表明, 拟南芥 SAMDC2 基因失去了小型 uORF C 末端内含子。

Hanfrey 等<sup>[24]</sup>总结了植物中 SAMDC 结构特征及功能: 1) 植物 SAMDC 活性主要受转录负反馈调控; 2) 小型 uORF 负责下游顺反子在转基因植物中的表达; 3) 去除小型 uORF 介导的转基因植物的调节, 导致下

表2 植物 SAMDC 5' 端前导序列基因组结构图示<sup>[6]</sup>

Species	Sequence
Arabidopsis/2	gcg tga atg aga tta <u>tgA</u> TG GAG T
Brassica juncea/2	gcg tga atg aga tta <u>tgA</u> TG GAA T
Rice1	aag tgg atg tac <u>taA</u> TG GAG TCA A
Rice2	aaa ttg atg cac <u>taA</u> TG GAG TCC A
Tobacco	g tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCG A
Maize	aat ttg atg tac <u>taA</u> TG GAG TCT A
Pinus taeda	ggc tga atg ttc <u>tgA</u> TG GAG ACC A
Ipomoeas nil	ggt gta atg aac <u>tgA</u> TG GAG TCT A
Hordeum	tag tga atg ttc <u>taA</u> TG GAG TCA A
Ice plant	ttg tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCT A
Carnational1	tat tga atg agc <u>taA</u> TG GAA TCA A
Carnationa2	tat tga atg agc <u>taA</u> TG GAA TCA A
Catharanthus roseus	gag tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCT A
Pea	gac tga atg agc <u>taA</u> TG GAG TCT A
Datura	ttg tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCA A
Alfalfa	gac tga atg agc <u>taA</u> TG GAG TCT A
Cotton	gac tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCT A
Watermelon	ttg cga atg att <u>taA</u> TG GAG TCA A
Tomato	ttg tga atg atc <u>taA</u> TG GAG TCA A
Potato	gaa tcc atg aac <u>taA</u> TG GAG TCT A
Soybean	gac tga atg aac <u>taA</u> TG GAG TCT A

游 SAMDC 翻译水平的增加, 进而提高了酶活性和脱羧的 SAM 水平, 促进多胺分解, 甚至导致严重的生长紊乱。

#### 4 SAMDC 基因的表达调控

多胺本身具有多价阳离子, 其作用于较广范围的生理过程包括核质形成、mRNA 翻译、细胞起始和细胞程序性死亡等。SAMDC 在翻译水平上通过亚精胺和精胺进行反馈调控。uORF 的多肽产物主要负责多胺调控腺苷甲硫氨酸的翻译。Tian 等<sup>[15]</sup>从大豆中分离出 *GmSAMDC1* 基因, 该基因编码含有 355 个氨基酸的多肽, 并含有几个高度保守的区域, 其中包括假定的酶原酶切位点和 PEST 序列。*GmSAMDC1* 5' 前导序列包含两个额外的 ORF, 可能调节翻译进程。Hu 等<sup>[25]</sup>通过在拟南芥中转 SAMDC 基因研究了植物中 SAMDC 5' 前导序列在转录和转录后水平调控基因表达中起关键的作用。

##### 4.1 去除植物 SAMDC 基因上游开放阅读框介导的调控

植物 SAMDC 基因活性主要由多胺的转录后调控。转基因烟草中 SAMDC 5' 端高度保守的小 uORF 负责下游葡萄糖苷酸酶报告基因顺反子的转录抑制。去除 SAMDC 小 uORF 导致转基因植物中该酶的翻译效率提高。这种酶活性增加的结果会导致多

胺水平的混乱, 如腐胺的缺失、精胺含量的减少, 尤其是 SAM 含量增加超过 400 倍<sup>[24]</sup>, 从而导致植物生长发育严重损伤。但这种高浓度的脱羧 SAM 和 5-甲基胞嘧啶的变化并无任何关系, SAM 的含量接近于正常水平, 说明植物中存在高效的调节 SAM 水平保持稳定的系统。Hu 等<sup>[25]</sup>研究表明当内源的亚精胺含量较低时, SAMDC 的上调表达需要前导序列中的内含子。这些研究表明 uORF 介导的 SAMDC 翻译调控是多胺动态平衡和正常生长发育所必需的。在腺苷甲硫氨酸过量表达的植物中大量聚集了脱羧的腺苷甲硫氨酸, 对植物细胞产生严重的影响

##### 4.2 多胺在 SAMDC 基因 uORF 处调控核糖体的终止

Law 等<sup>[22]</sup>研究表明 SAMDC 基因的合成是通过亚精胺和精胺在翻译水平上的反馈所调控。mRNA 上游开放阅读框编码的多肽产物主要负责调控 SAMDC 的翻译。通过引物延伸抑制序列和体外蛋白质的合成反应发现在 uORF 的终止密码子处核糖体翻译终止或关闭。半数的核糖体翻译终止起始于 SAMDC 基因 uORF 下游的一报告基因, 而且与多胺的浓度相关, 但不受  $Mg^{2+}$  浓度的影响, 这一点与 Hanfrey 等<sup>[24]</sup>的观点相一致, 他认为直接与核糖体在 uORF 处终止的稳定性相关。

#### 5 SAMDC 的生物学功能

多胺在植物体内起的作用主要有两种, 一种是作为生长调节物质对植物的生长发育起调节作用; 另一种是作为渗透调节物质在植物受到环境胁迫时起作用<sup>[26]</sup>。

SAM 在 SAMDC 催化下脱羧, 为 Spd 和 Spm 合成提供氨基, 同时 SAM 也是乙烯合成的前体物质。因此, 多胺与乙烯代谢是直接联系在一起的, 其代谢平衡在植物发育过程中起重要作用。首先多胺可以抑制乙烯的合成。Richard 等<sup>[27]</sup>利用 SAMDC 基因的反义 RNA 技术使得植物中 SAMDC 转录水平明显下降, 亚精胺 Spd 和精胺 Spm 含量下降, 植物表现出生长抑制, 节间缩短, 叶子变小等特征, 乙烯含量则上升 46 倍。这支持了多胺和乙烯生物合成存在竞争的观点。但 Chien 等<sup>[28]</sup>发现, 水稻叶片中多胺和乙烯的合成并没有竞争 SAM, Kushad 等<sup>[29]</sup>也支持这一观点。Mehta 等<sup>[11]</sup>将酵母 SAMDC 基因转入到番茄中, 结果转基因番茄多胺含量特别是亚精胺、精胺含量显著增加, 果实货架寿命延长、果实的营养增加、

番茄红素含量增加 2~3 倍。因此乙烯与多胺在生理上代谢上的关系仍需进一步研究。

Krishnamurthy 等<sup>[30]</sup>研究在盐及其他渗透胁迫的情况下, 水稻品种中亚精胺和精胺含量高, 而腐胺含量低。而对盐敏感品种则腐胺含量高, 亚精胺和精胺低。Kumar 等<sup>[31]</sup>利用诱导型表达启动子获得马铃薯正义 SAMDC 转基因植株, 过量表达植株中, SAMDC 转录水平升高, 精胺、亚精胺、腐胺的含量升高; 而组成型表达的反义转基因植物表现了特殊的生长表型, 如生长受抑、节间缩短, 分支增加、叶子变小。多胺在植物体内呈现出控制基因的表达、细胞分裂等多种生理功能。同时精胺和亚精胺能抑制磷脂双脂层的运动<sup>[32]</sup>或能提高类囊体膜在受到胁迫时的稳定性从而增强植物的抗逆性。在一般情况下, 植物体内的多胺以自由分子的形式存在, 但它们也能和一些小分子结合(如酚酸)或者与大分子相结合(如蛋白质)<sup>[33]</sup>。多胺通过与大分子的结合向实现其在植物体内的多种生理功能。Mizrahi 等<sup>[34]</sup>研究认为多胺与蛋白质结合形成多胺-蛋白复合体在体内起作用。Goldberg 等<sup>[35]</sup>发现大豆中自由态多胺和束缚态多胺的比值在生长阶段较高, 而在衰老的组织中其比值降低。

关于 SAMDC 酶性质的研究相对少得多。目前有研究表明, 该酶活性受光等环境因子影响<sup>[36,37]</sup>, 其中光诱导该酶活性上升可被环己亚胺所抑制<sup>[35]</sup>, 表明光诱导该酶从头合成。Dresselhaus 等<sup>[38]</sup>发现该酶基因的表达具有昼夜节律。

## 6 展望

SAMDC 是多胺合成途径中的一个关键酶, 而多胺与植物的生长发育密切相关, 特别是与逆境密切相关。多胺含量的增加能增强植物的抗逆性。而且 SAMDC 的底物 SAM 也是乙烯的合成前体物质, 乙烯也与植物的成熟衰老进程密切相关。近年来对 SAMDC 基因的分子结构已有较多报道, 但在利用转

基因技术改变多胺代谢酶活性从而研究多胺的生理功能方面报道较少<sup>[39]</sup>。通过调控 SAMDC 酶活性进而改变代谢过程中多胺和乙烯表达水平, 使植物抗性增加, 将为植物抗逆基因工程改良提供新途径。

## 参考文献(References)

- [1] Walden R *et al.* *Plant Physiol*, 1997, **113**: 1009
- [2] Wallace HM *et al.* *Biochem J*, 2003, **376**: 1
- [3] Hu WW *et al.* *Physiol Plant*, 2006, **128**: 740
- [4] 赵福庚. 南京农业大学博士学位论文, 2000
- [5] Tassoni A *et al.* *J Plant Physiol*, 2007, **164**: 1208
- [6] Hao YJ *et al.* *Gene*, 2005, **350**: 41
- [7] Bolle C *et al.* *Plant Physiol*, 1995, **107**: 1461
- [8] Kusano T *et al.* *J Plant Res*, 2007, **120**: 345
- [9] Ge C *et al.* *Cell Res*, 2006, **16**: 446
- [10] Franceschetti M *et al.* *Biochem J*, 2001, **353**: 403
- [11] Mehta RA *et al.* *Nat Biotechnol*, 2002, **20**: 613
- [12] Galston AW *et al.* *Plant Physiol*, 1990, **94**: 406
- [13] Toms AV *et al.* *J Biol Chem*, 2004, **279**: 33837
- [14] Tassoni A *et al.* *Plant Physiol Biochem*, 2000, **38**: 383
- [15] Tian AG *et al.* *Thero Appl Genet*, 2004, **108**: 842
- [16] Stanley BA *et al.* *J Biol Chem* 1989, **264**: 21073
- [17] Xiong H *et al.* *J Biol Chem*, 1997, **272**: 28342
- [18] 丁淑丽等. *遗传*, 2007, **29**: 109
- [19] Schröder G *et al.* *Eur J Biochem*, 1995, **228**: 74
- [20] Ruan H *et al.* *J Biol Chem*, 1996, **271**: 29576
- [21] Law GL *et al.* *J Biol Chem*, 2001, **276**: 38036
- [22] Pegg AE *et al.* *Adv Exp Med Biol*, 1988, **250**: 101
- [23] Hill JR *et al.* *J Biol Chem*, 1992, **267**: 21886
- [24] Hanfrey C *et al.* *J Biol Chem*, 2002, **277**: 44131
- [25] Hu WW *et al.* *Plant Physiol*, 2005, **138**: 276
- [26] 汪沛洪. *植物生理学通讯*, 1990, **26**: 1
- [27] Richard W *et al.* *Plant Physiol*, 1997, **113**: 1009
- [28] Chien TC *et al.* *J Plant Physiol*, 1992, **139**: 617
- [29] Kushad MM *et al.* *Plant Physiol*, 1988, **87**: 463
- [30] Krishnamurthy R *et al.* *Plant Physiol*, 1989, **91**: 500
- [31] Kumar A *et al.* *Plant J*, 1996, **9**: 147
- [32] Bratton DL. *J Biol Chem*, 1994, **269**: 22517
- [33] Bouchereau A *et al.* *Plant Sci*, 1999, **140**: 103
- [34] Mizrahi Y *et al.* *Plant Physiol*, 1989, **91**: 738
- [35] Goldberg R *et al.* *Planta*, 1984, **161**: 531
- [36] Kamachi S *et al.* *Plant Mol Biol*, 1995, **20**: 641
- [37] Hirasawa E *et al.* *Plant Cell Physiol*, 1994, **35**: 505
- [38] Dresselhaus T *et al.* *Plant Mol Boil*, 1996, **30**: 1021
- [39] Liu *et al.* *Plant Biotechnol*, 2007, **24**: 117

## Research Advance on S-adenosylmethionine Decarboxylase in Plants

Jia-Jing Zhang, Shu-Li Ding, Yi-Jing Zou, Lin Cheng, Gang Lu\*

(Department of Horticulture, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China)

**Abstract** Polyamine plays important roles in plant growth and the response to biotic and abiotic stress. S-adenosylmethionine decarboxylase (SAMDC) is a key enzyme involved in the biosynthesis of the polyamines. The substrate for the SAMDC is S-adenosylmethionine (SAM) and the product is decarboxylated SAM which provides the aminopropyl groups for subsequent synthesis of spermidine and spermine. This article reviews the progress on classification, evolution, structure character and biological function of SAMDC genes in plants.

**Key words** S-adenosylmethionine decarboxylase; polyamine; biological function

Received: February 29, 2008 Accepted: June 26, 2008

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (No.30571268) and the National High Technology Research and Development Program of China (863 Program) (No.2006AA100108)

\*Corresponding author. Tel: 86-571-86971349, E-mail: glu@zju.edu.cn